

водосховища (7,12%), найменший – 4,25%, у особин із екологічно чистого біотопу НПП «Гомільшанські ліси». Дослідження вмісту загальних ліпідів в печінці самців зелених жаб із різних біотопів Харківщини також показали, що у тварин із антропогенно-навантаженого біотопу (Журавлівське водосховище) вміст загальних ліпідів у печінці в 1,7 рази ($p < 0,05$) перевищує відповідні показники у особин із екологічно чистих біотопів. Таким чином, ліпіднобілковий обмін у амфібій в біотопах з високим антропогенним навантаженням більш інтенсивний.

Глікоген, як і глюкоза, для організму тварин є енергетичною сировиною, яка використовується в першу чергу. Вміст глікогену залежить від вмісту глюкози в крові і навпаки, організм забезпечується глюкозою за рахунок глікогену. У різних тварин відсоток глікогену коливається від 2 до 8%, а в патологічних випадках навіть доходить до 15-20%.

За результатами досліджень вмісту глікогену в печінці самців зелених жаб із різних біотопів Харківщини встановлено, що показники самців із НПП «Гомільшанські ліси» знаходяться в межах фізіологічної норми і складають 8,84%, а показники самців із інших біотопів перевищують фізіологічну норму на 2-3,5%). Таким чином, вміст глікогену в печінці самців із біотопів з високим антропогенним навантаженням в 1,3 рази ($p < 0,1$) (табл. 1) перевищує відповідні показники у особин із екологічно чистого біотопу. Загалом, вміст глікогену в печінці також залежить від рівня антропогенного навантаження на біотоп, як і інші біохімічні показники печінки. Хоча, вплив забруднення на вуглеводний обмін менш виражений, ніж його вплив на білково-ліпідний обмін в печінці амфібій і, в значній мірі, залежить від пори року.

Таким чином, печінка амфібій є органом-мішенню, який одним із перших реагує на збільшення шкідливих речовин в навколишньому середовищі зміною морфо-метричних та біохімічних показників. У біотопах з високим антропогенним навантаженням у самців зелених жаб спостерігається порушення білково-ліпідного та вуглеводного обміну, що проявляється підвищенням загальних біохімічних показників печінки: збільшується вміст загальних протеїнів, загальних ліпідів та глікогену у печінці. Встановлено, що представники роду *Pelophylax* відповідають усім вимогам до біоіндикаторів і можуть використовуватись як індикатор стану водойм Харківщини.

ОРГАНІЗАЦІЯ ТА ЕВОЛЮЦІЯ ГЕНІВ 5S РРНК ПРЕДСТАВНИКІВ ПІДРОДИНИ AMYGDALOIDAE

Надеждіна А.С.

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича

Науковий керівник – Волков Р.А., доктор біологічних наук, професор, завідувач кафедри молекулярної генетики та біотехнології Чернівецького національного університету імені Юрія Федьковича

У наслідок частих процесів міжвидової гібридизації в межах підродина *Amygdaloideae* постає проблема філогенетичних меж таксонів і, зокрема, родів. Застосування методів класичної систематики не завжди дозволяє отримати однозначну відповідь, особливо щодо таксонів гібридного походження. Таким чином дуже важливим є використання молекулярно-генетичних методів таксономії.

Одним з найбільш перспективних маркерів для вирішення такого завдання є міжгенний спейсер (МГС) генів 5S рРНК. Тому метою нашої роботи було вивчення структурної організації, поліморфізму та еволюції генів 5SpРНК, а також можливості застосування їх як молекулярного маркера у філогенетичних дослідженнях підродини *Amygdaloideae*. Для досягнення мети були поставлені завдання, що полягали в проведенні клонування та сиквенування повторів 5S рДНК представників підродини *Amygdaloideae*. Власні експериментальні дані порівнювалися з послідовностями доступними та в міжнародних базах даних.

У ході роботи було проаналізовано кодуючу послідовність 5S рДНК представників підродини *Amygdaloideae*, а також вивчено організацію спейсерної ділянки сиквенування послідовностей 5S рДНК трьох видів роду *Prunus*: *P. avium*, *P. fruticosa* і *P. grayana*; видів триби *Maleae*: *Chaenomeles japonica*, *Pseudocydonia sinensis* та представника триби *Spiraea* – *Spiraea alba*.

Вирівнювання кодуючих послідовностей 5S рДНК різних представників підродини з бази даних Genbank, а також із раніше одержаними на нашій кафедрі, виявило 6 унікальних нуклеотидних замін, що характерні виключно для представників підродини *Amygdaloideae* (рис. 1).

Проведений пошук за доступними у базах даних повними сиквенуваннями геномами представників родів *Prunus*, *Malus* та *Pyrus* засвідчив наявність в них лише одного варіанту кодуючої ділянки 5S рДНК із зазначеними мутаціями. Аналогічні результати були отримані і при аналізі наявних в базах даних транскриптомів видів з вказаних вище родів. Останній факт дає можливість однозначно стверджувати, що гени 5S із цими мутаціями транскрибуються і саме такі рРНК будуть приймати участь у формуванні великої субодиниці рибосом.

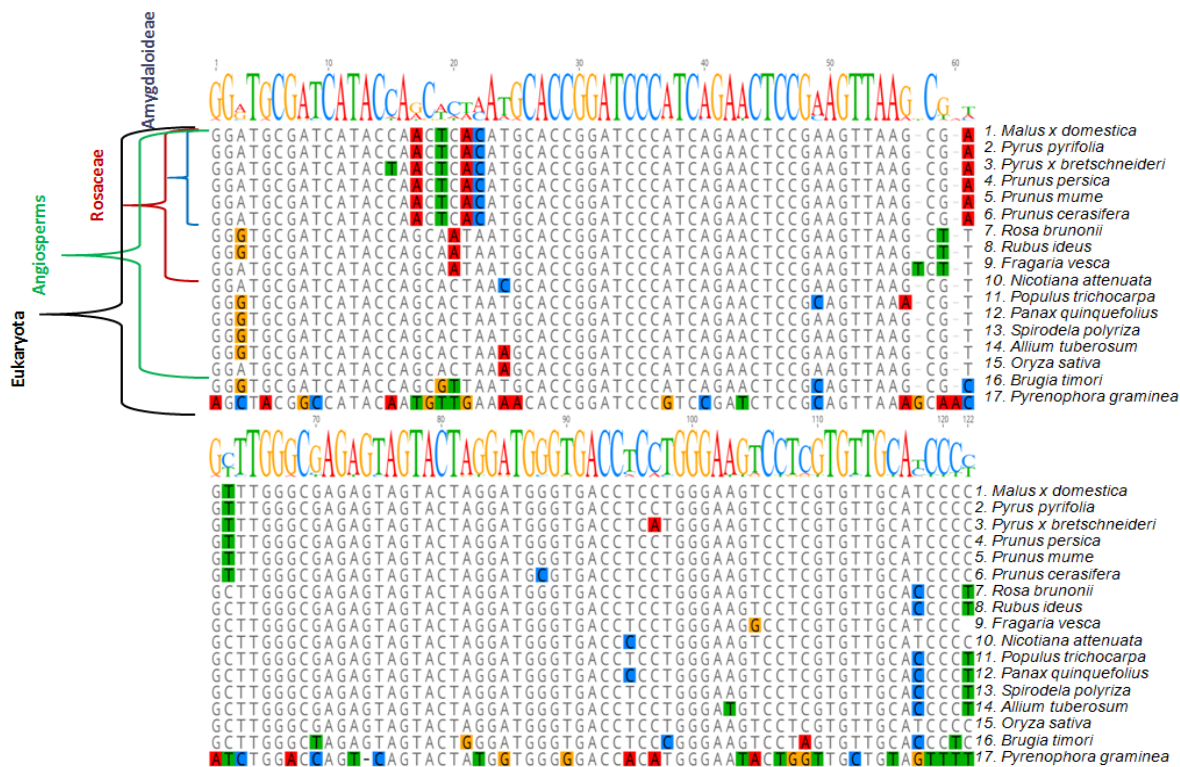


Рис. 1. Вирівнювання нуклеотидних послідовностей кодуючої ділянки 5S рДНК. Кольорами виділені нуклеотидні заміни по відношенню до консенсусної послідовності

Проте, оскільки навіть поодинокі нуклеотидні заміни можуть впливати на вторинну структуру рРНК-транскриптів, ми проаналізували обраховані моделі вторинної структури для генів із характерними нуклеотидними замінами та порівняли їх із такими для типових 5S рРНК рослин. Також, була побудована модель вторинної структури для «комбінованої» гіпотетичної молекули, яка містила лише дві мутації в центральній частині, які характерні для генів 5S рРНК представників *Amygdaloideae* (рис. 2).

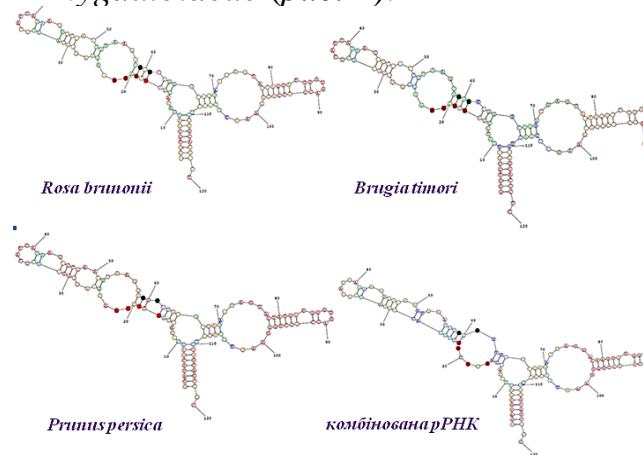


Рис. 2. Моделі вторинної структури 5S рРНК. Червоним та зеленим кольорами виділені положення нуклеотидних замін, що притаманні представникам підродини *Amygdaloideae*. Вторинні структури побудовані з використанням програми RNAstructure

Отримані моделі показують, що вторинна структура 5S рДНК є надзвичайно консервативною. Як можна побачити дві пари заміненіх нуклеотидів комплементарно з'єднуються між собою, не порушуючи правильну структуру молекули, тоді як замінені 21-ий та 22-ий нуклеотиди (АС) взагалі не беруть участі в утворенні вторинних структур. Можна констатувати відсутність впливу згаданих шести замін на стабільність 5S рРНК. В той же час, структура комбінованої молекули РНК несе чіткі зміни, очевидно пов'язані із неправильною нуклеотидною взаємодією, отже можна припустити, що виникнення частини з даних замін могло мати компенсаторне значення.

Оскільки нами була виявлена спільність напрямку еволюційних процесів в кодуючій послідовності 5S рРНК у всіх проаналізованих представників підродини *Amygdaloideae*, то цікавим й перспективним виглядає вивчення еволюційних закономірностей організації та еволюції їх спейсерної ділянки, зокрема у видів триби *Malea* та роду *Prunus*, яка широко застосовується в дослідженні таксономії близько споріднених груп.

Нами був виявлений лише один варіант повторів 5S рДНК за довжиною МГС для таких видів триби *Malea* як *Pyrus pyrifolia*, *Malus domestica*, *Cydonia oblonga*, *Spiraea alba* та *Chaenomeles japonica* з довжинами спейсерної ділянки в окремих повторах: 185 нп, 201 нп, 245 нп, 206 нп та 202 нп. Вирівнювання сиквенованих послідовностей представників триби *Malea* з раніше отриманими на нашій кафедрі, а також з міжнародної бази даних GenBank показало надзвичайно високий ступінь міжвидового поліморфізму з великою кількістю нуклеотидних замін та інсерцій/делецій (інделів), що є дещо неочікуваним, для видів, які належать до однієї триби. Зважаючи на значні дистанції за цією ознакою між різними родами в межах *Maleae* (подібність в межах від 26,1% до 70,6%)

використання послідовності МГС у філогенетичних дослідженнях можливе лише між близькими родами в межах триби.

Порівняння отриманих нами сиквенсів з послідовностями інших представників роду *Prunus*, зокрема *P. spinosa*, *P. cerasifera*, *P. persica*, *P. tume* та *P. domestica*, що були раніше отримані на нашій кафедрі, а також з міжнародної бази даних Genbank, показало, що рівень подібності МГС різних видів роду є досить варіабельним. Розміри продуктів ампліфікації 5S рДНК для різних видів роду *Prunus* знаходяться в межах 570-900 нп. Були виявлені два варіанти повторів 5S рДНК, які різняться за довжиною МГС. Для *Prunus grajana* перший варіант відповідає типовим для роду відносно коротким тандемним повторам (short repeats, SR) із довжиною МГС близько 500 нп, тоді як у довгому варіанті повторів (long repeats, LR) довжина МГС складе близько 700 нп. В той же час, у *Prunus avium* виявлений лише варіант із довжиною спейсеру 770 нп, і таке значне зростання розмірів МГС пов'язане із п'ятьма олігонуклеотидними інсерціями.

Оскільки для більшості представників роду характерний відносно короткий варіант МГС, можна зробити припущення, що саме такий варіант був вихідним у роді *Prunus*. Перебудови у вигляді інсерцій призвели до появи нового «довгого варіанту», ймовірно лише у однієї групи роду. В подальшому, цей варіант в різній мірі ампліфікувався в геномах нащадків цієї групи, навіть повністю витіснивши предковий короткий варіант, як у *P. avium*. Така гіпотеза також підтверджується розташуванням різних варіантів МГС на побудованому нами філогенетичному дереві (рис. 3).

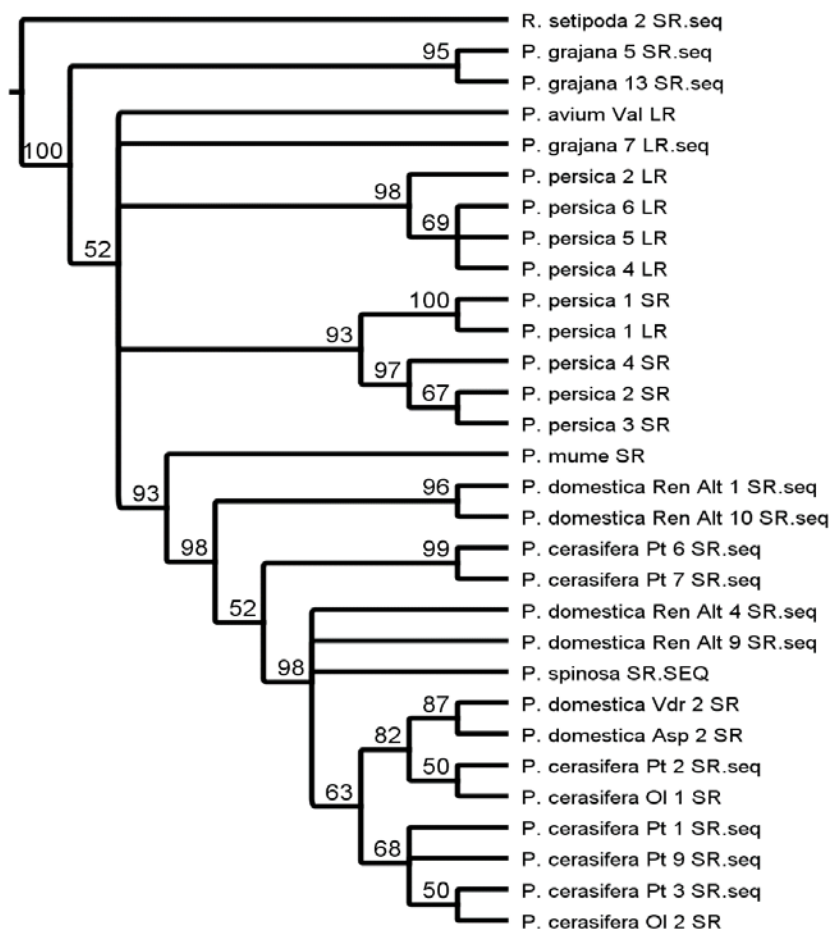


Рис. 3. Дендрограма, спорідненості між послідовностями МГС 5S рДНК представників роду *Prunus*. SR – короткий повтор, LR – довгий повтор

Список використаних джерел:

1. Wicke S. Restless 5S: the re-arrangement(s) and evolution of the nuclear ribosomal DNA in land plants. / S. Wicke // Molecular Phylogenetics and Evolution. – 2011. – V. 61. – P. 321–332.
2. Xiang Y. Evolution of Rosaceae fruit types based on nuclear phylogeny in the context of geological times and genome duplication / Y. Xiang, C.H. Huang, Y. Hu et al. // Mol. Biol. Evol. – 2016. – V. 67. – P. 242.

АДВЕНТИВНІ ШКІДНИКИ ЯЛІВЦЯ У ДЕРГАЧІВСЬКОМУ РАЙОНІ ХАРКІВСЬКОЇ ОБЛАСТІ

Некревич Ю.О.

Харківський національний аграрний університет імені В.В. Докучаєва

Науковий керівник – Станкевич С.В., кандидат сільськогосподарських наук, доцент кафедри зоології та ентомології імені Б.М. Литвинова Харківського національного аграрного університету імені В.В. Докучаєва

Ялівець (або верес) (лат. *Juniperus*) – вічнозелена чагарникова рослина, що належить до родини кипарисових. Поширений в Африці, Мексиці, Азії, Америці. Тривалість життя близько 600 років, а висота від 10 см до 30 м висоти, залежно від виду. Цінність ялівця в тому, що він виділяє велику кількість фітонцидів (майже в 6 разів більше, ніж інші хвойні породи, і в 15 раз більше, ніж листяні). Крім того, рослина успішно затримує пил, поглинає токсичні речовини та ін.

Метою досліджень проведених на ялівці в ТОВ «Агро Флора» Дергачівського району Харківської області було встановлення видового складу шкідників ялівцю у Східному Лісостепу України.

В ході досліджень проведених на ялівці нами виявлено звичайного павутинного кліща (*Tetranychus urticae*) та два види адвентивних комах, котрі належать до ряду рівнокрилих (Homoptera): європейська ялівцева щитівка – *Carulaspis juniperi* Bouche та ялівцевий борошністий червчик – *Planococcus vovae* Nas.

Європейська ялівцева щитівка відмічена в США, Польщі, Нідерландах, Польщі, Іспанії, Сербії, Придністров'ї, Новій Зеландії. Вперше для фауни зелених насаджень України відмічена на Донбасі у 2004 році на ялівці, туї, тисі, кипарисовику. Щитівка живиться поглинаючи сік з хвої рослин, гілок та шишкоягід. Шкода проявляється у вигляді хлорозу на голках, передчасному висиханні і опаданні хвої, поганому зростанні гілок і загальному фізіологічному ослабленні рослин, в результаті чого гинуть окремі гілки і навіть цілі рослини. Рослини втрачають свою естетичну цінність. Сухі щитки шкідника з попереднього року, які залишаються на рослині-хазяїні, сприяють цьому. Спільна дія щитівки та погодних умов (висока літня температура повітря та відсутність дощів) призводять до повного усихання хвої на окремих гілках. Хвоя ялівця сохне, втрачає зелену пігментацію і світлішає (жовтіє або буріє).

Ялівцевий борошністий червчик відмічений у Хорватії, Ізраїлі, Польщі, Ірані, Киргизстані, в Північному, Північно-Західному та Центральному регіонах Росії і у деяких районах Далекосхідного регіону. В Україні зустрічається повсюдно. Пошкоджує ялівець та кипарис. При високій чисельності заселяє хвою. При масовому розмноженні шкідника хвоя буріє, осипається; рослини заселяються сажковими грибами і чорніють, втрачаючи декоративність.